

EP0955314

Publication Title:

Peptide compounds analogues of the glucagon-like peptide-1 (7-37)

Abstract:

Compound of formula (I):wherein:Z1, substituent of the terminal amino group, represents hydrogen, alkyl or acyl, or arylcarbonyl, heteroarylcarbonyl, 3b2 arylalkylcarbonyl, heteroarylcarbonyl, aryloxy carbonyl, arylalkoxy carbonyl or alkoxy carbonyl each of which is optionally substituted,Z2 (SEQ ID NO: 1), substituent of the terminal carbonyl group, represents hydroxy, alkoxy or optionally substituted amino,X1 to X14 each represents an amino acid residue having the D or L configuration as defined in the description,X15 represents a bond or an arginine residue (Arg).Medicinal products containing the same are useful as tGLP-1 agonists.

Data supplied from the esp@cenet database - <http://ep.espacenet.com>



Europäisches Patentamt
European Patent Office
Office européen des brevets



(11) **EP 0 955 314 A2**

(12) **DEMANDE DE BREVET EUROPEEN**

(43) Date de publication:
10.11.1999 Bulletin 1999/45

(51) Int Cl.⁶: **C07K 14/605, A61K 38/26**

(21) Numéro de dépôt: **99400613.8**

(22) Date de dépôt: **12.03.1999**

(84) Etats contractants désignés:
**AT BE CH CY DE DK ES FI FR GB GR IE IT LI LU
MC NL PT SE**
Etats d'extension désignés:
AL LT LV MK RO SI

(30) Priorité: **10.04.1998 FR 9804559**

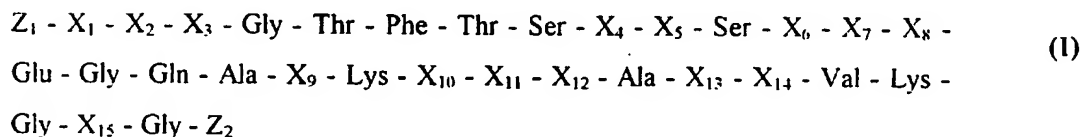
(71) Demandeur: **ADIR ET COMPAGNIE
92415 Courbevoie Cédex (FR)**

(72) Inventeurs:
• **Calas, Bernard
34000 Montpellier (FR)**

• **Grassy, Gérard
34470 Perols (FR)**
• **Chavanieu, Alain
34820 Assas (FR)**
• **Sarrauste de Menthiera, Cyril
34000 Montpellier (FR)**
• **Renard, Pierre
78150 Le Chesnay (FR)**
• **Pfeiffer, Bruno
59650 Villeneuve d'Ascq (FR)**
• **Manechez, Dominique.
59650 Villeneuve D ascq (FR)**

(54) **Composés peptidiques analogues du glucagon-like-peptide-1 (7-37), leur procédé de préparation et les compositions pharmaceutiques qui les contiennent**

(57) Composés peptidiques de formule (I) :



dans laquelle :

- Z_1 , substituant du groupement aminé terminal, représente un atome d'hydrogène ou un groupement alkyle, acyle, ou bien un groupement arylcarbonyle, hétéroarylcarbonyle, arylalkylcarbonyle, hétéroarylcarbonyle, aryloxy carbonyle, arylalkyloxy carbonyle, alkyloxy carbonyle, tous éventuellement substitués,
- Z_2 , substituant du groupement carbonyle terminal, représente un groupement hydroxy, alkoxy, amino éventuellement substitué,
- X_1 à X_{14} représentent chacun un résidu d'acide aminé de configuration D ou L tel que défini dans la description,
- X_{15} représente une liaison ou un résidu Arginine (Arg),

Médicaments

EP 0 955 314 A2

Description

[0001] La présente invention concerne de nouveaux composés peptidiques analogues du Glucagon-Like-Peptide-1 (7-37), leur procédé de préparation et les compositions pharmaceutiques qui les contiennent.

[0002] Les Glucagon-Like-Peptides-1 (7-37) et (7-36) NH₂ (GLP-1) sont des peptides d'origine intestinale, fortement impliqués dans le contrôle de l'homéostasie glucidique. Ces peptides sont les principaux médiateurs de l'axe entéro-insulaire et agissent en se fixant à des récepteurs spécifiques.

[0003] Le ¹GLP-1 agit de manière prépondérante au niveau pancréatique en exerçant un effet puissant de stimulation de l'insulino-sécrétion par les cellules β, de manière glucose dépendante (S. Mojsov et al., J. Clin. Invest., 1987, 79, 619 ; et J.J. Holst, F.E.B.S. Letters, 1987, 211, 169). Cette stimulation s'accompagne d'une stimulation de la libération de somatostatine et d'une inhibition de la libération de glucagon.

[0004] Parallèlement à ces effets pancréatiques, le ¹GLP-1 a pour effet de ralentir la vidange gastrique, de diminuer les sécrétions acides et de stimuler l'utilisation périphérique du glucose au niveau musculaire, hépatique, et adipocytaire (M.L. Villanueva et al., Diabetologia, 1994, 37, 1163 ; D.J. Drucker, Diabetes, 1998, 47, 159).

[0005] Des études récentes ont également montré que le ¹GLP-1 pouvait avoir une influence sur le comportement alimentaire en inhibant la prise de nourriture et de boisson, par action sur les centres de la satiété (M.D. Turton et al., Nature, 1996, 379, 69).

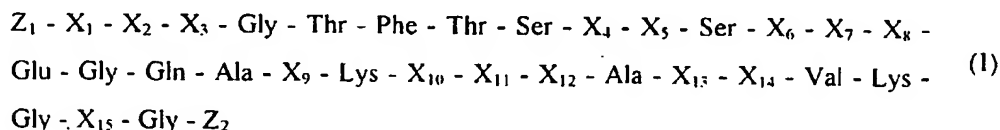
[0006] Le ¹GLP-1 possède donc de multiples applications thérapeutiques potentielles, en particulier dans le traitement du diabète de type II, non insulino-dépendant, de l'obésité, et dans le diabète de type I.

[0007] Toutefois, comme beaucoup de peptides hormonaux, il possède une demi-vie plasmatique assez courte, inférieure à 2 minutes (T.J. Kieffer et al., Endocrinology, 1995, 136, 3585), ce qui limite son utilisation.

[0008] L'utilisation du peptide naturel GLP₁ (7-37) pour ses propriétés insulino-tropiques a été largement décrite, que ce soit pour le peptide naturel GLP₁ (7-37) ou GLP₁ (7-36) NH₂ seul, sous forme de sels, esters ou amides (US 5616492, WO 8706941, WO 9011296), associé à des phospholipides (WO 9318785) ou associé à d'autres substances hypoglycémiantes (WO 9318786). Des analogues modifiés en quelques positions de la séquence naturelle ont également été étudiés (EP 733644, EP 708179, EP 658568, WO 9111457) dans le but de concevoir des dérivés aussi puissants que le GLP₁ (7-37) et mieux absorbés.

[0009] Les composés de la présente invention possèdent une structure originale dérivant de celle du ¹GLP-1 par modifications de plusieurs résidus et/ou par suppression de l'arginine en position 36. Outre le fait qu'ils soient nouveaux, ces composés possèdent des propriétés pharmacologiques intéressantes, dues à leur caractère agoniste pour les récepteurs au ¹GLP-1. Les modifications apportées présentent de plus l'avantage d'augmenter considérablement la stabilité métabolique des composés de l'invention et leurs confèrent ainsi une durée d'action supérieure au peptide naturel. Ces propriétés rendent ces dérivés particulièrement intéressant pour le traitement des pathologies pour lesquelles le ¹GLP-1 intervient, notamment dans le traitement du diabète de type II non insulino-dépendant, de l'obésité, et dans le diabète de type I.

[0010] La présente invention concerne les composés peptidiques de formule générale (I) :



dans laquelle :

Z₁, substituant du groupement aminé terminal du peptide de formule (I), représente un atome d'hydrogène, un groupement alkyle, un groupement acyle (C₁-C₆) linéaire ou ramifié, un groupement arylcarbonyle éventuellement substitué, hétéroarylcabonyle éventuellement substitué, arylalkylcarbonyle éventuellement substitué, hétéroarylalkylcarbonyle éventuellement substitué, aryloxycarbonyle éventuellement substitué, arylalkyloxycarbonyle éventuellement substitué, ou alkylloxycarbonyle éventuellement substitué,

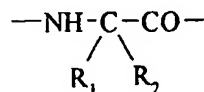
Z₂, substituant du groupement carbonyle terminal du peptide de formule (I), représente un groupement hydroxy, alkoxy (C₁-C₆) linéaire ou ramifié, amino (éventuellement substitué par un ou deux groupements identiques ou différents choisis parmi alkyle (C₁-C₆) linéaire ou ramifié, aryle éventuellement substitué, hétéroaryle éventuellement substitué, arylcarbonyle éventuellement substitué, hétéroarylcabonyle

éventuellement substitué, arylalkylcarbonyle éventuellement substitué, hétéroarylalkylcarbonyle éventuellement substitué, ou par deux groupements formant avec l'atome d'azote un cycle saturé de 5 à 7 chaînons).

5 X_1 à X_{14} représentent chacun indépendamment :

- un résidu d'acide aminé naturel ou non naturel de configuration D ou L de formule :

10



15

dans laquelle :

20

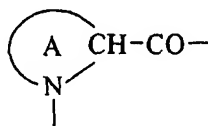
25

- R_1 représente un atome d'hydrogène et R_2 représente un atome d'hydrogène ou un groupement alkyle, aminoalkyle (éventuellement substitué sur l'atome d'azote par un ou deux groupements alkyle, phényle, benzyle, cycloalkyle, aryloxy-carbonyle éventuellement substitué, arylalkyloxy-carbonyle éventuellement substitué, et/ou alkyloxy-carbonyle éventuellement substitué), thioalkyle (éventuellement substitué sur l'atome de soufre par un groupement alkyle, phényle, benzyle, cycloalkyle), hydroxyalkyle (éventuellement substitué sur l'atome d'oxygène par un groupement alkyle, phényle, benzyle, cycloalkyle), carboxyalkyle, carbamoylalkyle, guanidinoalkyle, cycloalkyle, cycloalkylalkyle, cycloalkyle fusionné éventuellement substitué, aryle éventuellement substitué, arylalkyle éventuellement substitué, hétéroaryle éventuellement substitué, hétéroarylalkyle éventuellement substitué, imidazolyle, imidazolylalkyle,
- ou bien R_1 et R_2 forment ensemble avec l'atome de carbone qui les porte un groupement cycloalkyle ou cycloalkyle fusionné,

30

- ou un résidu d'acide aminé cyclique naturel ou non naturel de configuration D ou L. de formule :

35



40

dans laquelle A forme avec les atomes d'azote et de carbone auxquels il est relié un groupement mono ou bicyclique de 5 à 11 chaînons saturé, partiellement insaturé ou insaturé, et éventuellement substitué,

- ou un résidu de l'acide 3-amino-3-(2-furyl)propanoïque,

45 X_{15} ,

représente une liaison ou un résidu arginine (Arg), leurs sels d'addition à un acide ou à une base pharmaceutiquement acceptable, à la condition que :

X_{15} représente une liaison lorsque :

50

X_1 est un résidu de configuration L ou D choisi parmi tyrosine (Tyr), arginine (Arg), phénylalanine (Phe), ornithine (Orn), methionine (Met), proline (Pro), leucine (Leu), valine (Val), isoleucine (Ile), alanine (Ala), acide aspartique (Asp), acide glutamique (Glu), asparagine (Asn), glutamine (Gln), et histidine (His),
et/ou

55

X_2 représente un résidu de configuration L ou D choisi parmi serine (Ser), glycine (Gly), cystéine (Cys), sarcosine (Sar), alanine (Ala), proline (Pro), valine (Val), leucine (Leu), isoleucine (Ile), et threonine (Thr),
et/ou

- X_3 représente un résidu d'acide aminé de configuration L ou D choisi parmi glutamine (Gln), acide aspartique (Asp), thréonine (Thr), asparagine (Asn), et acide glutamique (Glu), et/ou
- 5 X_5 représente un résidu tyrosine (Tyr), et/ou
- X_6 représente un résidu lysine (Lys), et/ou
- 10 X_{10} représente un résidu d'acide aminé choisi parmi glutamine (Gln), alanine (Ala), thréonine (Thr), sérine (Ser), et glycine (Gly), et/ou
- 15 X_{13} représente un résidu d'acide aminé choisi parmi phénylalanine (Phe), valine (Val), leucine (Leu), isoleucine (Ile), alanine (Ala), et tyrosine (Tyr),

étant entendu que :

- 20 - les résidus X_1 à X_{15} ne peuvent être choisis de telle façon que le peptide obtenu soit identique au peptide naturel,
- le terme alkyle désigne une chaîne linéaire ou ramifiée de 1 à 6 atomes de carbones,
- le terme cycloalkyle représente un groupement cyclique carboné, saturé de 3 à 8 chaînons,
- l'expression "cycloalkyle fusionné" désigne un groupement bicyclique de 8 à 11 chaînons, composé d'un cycle saturé carboné fusionné avec un cycle saturé ou insaturé comportant éventuellement un ou deux hétéroatomes
- 25 choisis parmi azote, oxygène ou soufre, par exemple un groupement indane, tétrahydronaphtalène ou tétrahydroquinoléine,
- le terme aryle représente un groupement phényle, naphthyle ou biphényle,
- le terme hétéroaryle représente un groupement mono ou bicyclique de 5 à 11 chaînons contenant de 1 à 4 hétéroatomes choisis parmi azote, oxygène ou soufre, par exemple un groupement furyle, pyridyle, thiényl ou indolye,
- 30 - le terme arylcarbonyl représente un groupement R_a -CO-, le terme arylalkylcarbonyl représente un groupement R_a - R_b -CO-, le terme hétéroarylcarbonyl représente un groupement R_c -CO-, et le terme hétéroarylalkylcarbonyl représente un groupement R_c - R_b -CO-, le terme aryloxycarbonyl représente un groupement R_a -O-CO-, le terme arylalkyloxycarbonyl représente un groupement R_a - R_b -O-CO- et le terme alkyloxycarbonyl représente un groupement R_b -O-CO-, dans lesquels R_a représente un groupement aryle tel que défini précédemment, R_b , un groupement alkyle tel que défini précédemment et R_c un groupement hétéroaryle tel que défini précédemment,
- 35 - le terme substitué affecté aux expressions précédemment définies, signifie que les groupements concernés sont substitués par un ou plusieurs atomes d'halogène, ou groupements alkyle (C_1 - C_6) linéaire ou ramifié, hydroxy, alkoxy (C_1 - C_6) linéaire ou ramifié, amino, cyano, nitro, perhalogénoalkyle (C_1 - C_6) linéaire ou ramifié,
- chaque liaison peptidique -CO-NH- peut être éventuellement remplacée par une liaison pseudopeptidique choisie
- 40 parmi -CH₂-NH-, -NH-CO-, -CO-N(CH₃)-, -CH₂-CH₂-, -CH₂-CO-, -CH₂-S-, -CH₂-SO-, -CH₂-SO₂-, -CH=CH-, -CO-CH₂-NH-.

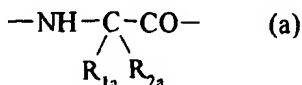
[0011] Parmi les acides pharmaceutiquement acceptables, on peut citer les acides chlorhydrique, bromhydrique, sulfurique, phosphonique, acétique, trifluoroacétique, lactique, pyruvique, malonique, succinique, glutarique, fumarique, tartrique, maléique, citrique, ascorbique, méthanesulfonique, camphorique, etc...

[0012] Parmi les bases pharmaceutiquement acceptables, on peut citer l'hydroxyde de sodium, l'hydroxyde de potassium, la triéthylamine, la tertbutylamine, etc...

[0013] La présente invention concerne particulièrement les composés peptidiques de formule (I), pour lesquels les résidus X_1 à X_{14} sont choisis en fonction de la nature de leur chaîne latérale. Cette dernière peut présenter un caractère aromatique, ou bien un caractère aliphatique, ou bien être capable d'établir des interactions de type liaison hydrogène, ou bien être capable d'établir des interactions ioniques, ou bien être de nature cyclique.

[0014] Les résidus d'acides aminés naturels ou non naturels, de configuration D ou L, possédant une chaîne latérale à caractère aromatique sont représentés par la formule suivante :

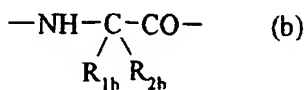
55



dans laquelle :

R_{1a} représente un atome d'hydrogène, et R_{2a} représente un groupement cycloalkyle fusionné avec un cycle insaturé tel que défini précédemment, et éventuellement substitué, ou un groupement aryle éventuellement substitué, arylalkyle éventuellement substitué, hétéroaryle éventuellement substitué, hétéroarylalkyle éventuellement substitué, imidazolyle, ou imidazolylalkyle, parmi ces résidus possédant une chaîne latérale à caractère aromatique on peut citer plus spécifiquement les résidus phénylalanine (Phe), histidine (His), tyrosine (Tyr), tryptophane (Trp), homophénylalanine (Hof), halogénophénylalanine (par exemple 4-chlorophénylalanine (4-Cl-Phe)), dihalogénophénylalanine (par exemple 3,4-dichlorophénylalanine (3,4-di-Cl-Phe)), alkylphénylalanine (par exemple 4-méthylphénylalanine (4-Me-Phe)), nitrophénylalanine (par exemple 4-nitrophénylalanine (4-NO₂-Phe)), 3-pyridylalanine (3-Pya), 2-thiénylalanine (Tha), 3-furylalanine (Fua), 1-naphtylalanine (1-Nal), 2-naphtylalanine (2-Nal), phénylglycine (Phg), et 3-nitrotyrosine (3-NO₂-Tyr).

- Les résidus d'acides aminés naturels ou non naturels, de configuration D ou L, possédant une chaîne latérale à caractère aliphatique sont représentés par la formule suivante :

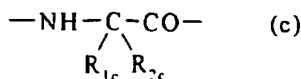


dans laquelle :

R_{1b} représente un atome d'hydrogène, et R_{2b} représente un atome d'hydrogène ou un groupement alkyle, ou cycloalkyle,

parmi ces résidus on peut citer plus spécifiquement les résidus glycine (Gly), alanine (Ala), valine (Val), leucine (Leu), isoleucine (Ile), acide 2-aminobutyrique (Abu), 2-aminoisobutyrique (Aib), β -cyclohexylalanine (Cha), homoleucine (Hol), norleucine (Nle), norvaline (Nva), et tert-leucine (Tle).

- Les résidus d'acides aminés naturels ou non naturels, de configuration D ou L, possédant une chaîne latérale capable d'établir des interactions de type liaison hydrogène sont représentés par la formule :

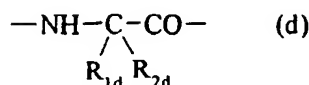


dans laquelle :

R_{1c} représente un atome d'hydrogène, et R_{2c} représente un groupement aminoalkyle (éventuellement substitué sur l'atome d'azote par un groupement alkyle, phényle, benzyle, ou cycloalkyle), thioalkyle (éventuellement substitué sur l'atome de soufre par un groupement alkyle, phényle, benzyle, ou cycloalkyle) hydroxylalkyle éventuellement substitué sur l'atome d'oxygène par un groupement alkyle, phényle, benzyle, cycloalkyle), carboxyalkyle, carbamoylalkyle, ou guanidinoalkyle,

parmi ces résidus on peut citer plus spécifiquement les résidus méthionine (Met), acide aspartique (Asp), acide glutamique (Glu), lysine (Lys), arginine (Arg), sérine (Ser), thréonine (Thr), cystéine (Cys), tyrosine (Tyr), asparagine (Asn), glutamine (Gln), tryptophane (Trp), acide diaminobutyrique (Dab), acide diamino-propionique (Dapa), ornithine (Orn), et benzylcystéine (Bcy).

- Les résidus d'acides aminés naturels ou non naturels, de configuration D ou L, possédant une chaîne latérale capable d'établir des interactions de type ionique sont représentés par la formule :

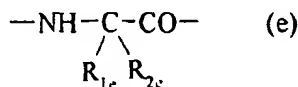


dans laquelle :

R_{1d} représente un atome d'hydrogène, et R_{2d} représente un groupement aminoalkyle, thioalkyle, hydroxyalkyle, carboxyalkyle, guanidinoalkyle, imidazole, ou imidazolylalkyle,

parmi ces résidus on peut citer plus spécifiquement les résidus acide aspartique (Asp), acide glutamique (Glu), lysine (Lys), arginine (Arg), histidine (His), sérine (Ser), thréonine (Thr), cystéine (Cys), tyrosine (Tyr), acide diaminoacétique (NH-Gly), acide diaminobutyrique (Dab), acide diaminopropionique (Dapa), ornithine (Orn), et méthionine (Met).

- Les résidus d'acides aminés non naturels, de configuration D ou L, possédant une chaîne latérale de nature cyclique sont représentés par la formule suivante :



dans laquelle :

R_{1c} et R_{2c} forment ensemble un cycloalkyle ou un cycloalkyle fusionné,

parmi ces résidus on peut citer plus spécifiquement les résidus acide 1-amino-1-cyclohexanecarboxylique (Acy), acide 2-aminoindane-2-carboxylique (Aic), et acide 2-aminotétraline-2-carboxylique (Atc).

X_1 représente préférentiellement un résidu d'acide aminé naturel ou non naturel, de configuration D ou L, possédant une chaîne latérale à caractère aromatique, représenté par la formule (a).

X_2 représente préférentiellement un résidu d'acide aminé naturel ou non naturel, de configuration D ou L, possédant une chaîne latérale à caractère aliphatique, représenté par la formule (b).

X_3 représente préférentiellement un résidu d'acide aminé naturel ou non naturel, de configuration D ou L, possédant une chaîne latérale capable d'établir des interactions ioniques, représenté par la formule (d).

X_4 représente préférentiellement un résidu d'acide aminé naturel ou non naturel, de configuration D ou L, possédant une chaîne latérale capable d'établir des interactions ioniques, représenté par la formule (d), ou un résidu d'acide aminé naturel ou non naturel, de configuration D ou L, possédant une chaîne latérale à caractère aliphatique, représenté par la formule (b).

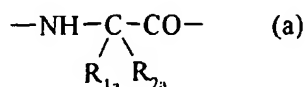
X_5 représente préférentiellement un résidu d'acide aminé naturel ou non naturel, de configuration D ou L, possédant une chaîne latérale à caractère aliphatique, représenté par la formule (b).

X_6 représente préférentiellement un résidu d'acide aminé naturel ou non naturel, de configuration D ou L, possédant une chaîne latérale capable d'établir des interactions ioniques, représenté par la formule (d).

X_7 représente préférentiellement un résidu d'acide aminé naturel ou non naturel, de configuration D ou L, possédant une chaîne latérale capable d'établir des interactions ioniques, représenté par la formule (d), ou un résidu d'acide aminé naturel ou non naturel, de configuration D ou L, possédant une chaîne latérale à caractère aliphatique, représenté par la formule (b).

X_8 représente préférentiellement un résidu d'acide aminé naturel ou non naturel, de configuration D ou L, possédant une chaîne latérale à caractère aliphatique, représenté par la formule (b).

- X_9 représente préférentiellement un résidu d'acide aminé naturel ou non naturel, de configuration D ou L, possédant une chaîne latérale à caractère aliphatique, représenté par la formule (b).
- 5 X_{10} représente préférentiellement un résidu d'acide aminé naturel ou non naturel, de configuration D ou L, possédant une chaîne latérale capable d'établir des interactions ioniques, représenté par la formule (d), ou un résidu d'acide aminé naturel ou non naturel, de configuration D ou L, possédant une chaîne latérale à caractère aliphatique, représenté par la formule (b).
- 10 X_{11} représente préférentiellement un résidu d'acide aminé naturel ou non naturel, de configuration D ou L, possédant une chaîne latérale à caractère aromatique, représenté par la formule (a).
- X_{12} représente préférentiellement un résidu d'acide aminé naturel ou non naturel, de configuration D ou L, possédant une chaîne latérale capable d'établir des interactions ioniques, représenté par la formule (d), ou un résidu d'acide aminé naturel ou non naturel, de configuration D ou L, possédant une chaîne latérale à caractère aliphatique, représenté par la formule (b).
- 15 X_{13} représente préférentiellement un résidu d'acide aminé naturel ou non naturel, de configuration D ou L, possédant une chaîne latérale à caractère aromatique, représenté par la formule (a).
- 20 X_{14} représente préférentiellement un résidu d'acide aminé naturel ou non naturel, de configuration D ou L, possédant une chaîne latérale à caractère aliphatique, représenté par la formule (b).
- X_{15} représente préférentiellement une liaison.
- 25 **[0015]** De façon préférentielle, dans les composés de formule (1), Z_1 représente un atome d'hydrogène.
[0016] Dans les composés de formule (I), Z_2 représente préférentiellement un groupement choisi parmi hydroxy, alkoxy (C_1 - C_6) linéaire ou ramifié, et amino. Plus spécifiquement Z_2 représente un groupement amino.
[0017] Un aspect avantageux de l'invention concerne les composés de formule (I) pour lesquels :
- 30 Z_1 , représente un atome d'hydrogène,
 Z_2 , représente un groupement choisi parmi hydroxy, alkoxy (C_1 - C_6) linéaire ou ramifié, ou amino,
 X_1 et X_{11} représentent un résidu d'acide aminé naturel ou non naturel, de configuration D ou L, et sont choisis
 35 indépendamment parmi les résidus d'acides aminés possédant une chaîne latérale à caractère aromatique, représentés par la formule suivante :

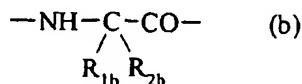


dans laquelle :

- 45 R_{1a} représente un atome d'hydrogène, et R_{2a} représente un groupement cycloalkyle fusionné avec un cycle insaturé tel que défini précédemment, et éventuellement substitué, ou un groupement aryle éventuellement substitué, arylalkyle éventuellement substitué, hétéroaryle éventuellement substitué, hétéroarylalkyle éventuellement substitué, imidazolyle, ou imidazolylalkyle,
 50 parmi ces résidus possédant une chaîne latérale à caractère aromatique on peut citer plus spécifiquement les résidus phénylalanine (Phe), histidine (His), tyrosine (Tyr), tryptophane (Trp), homophénylalanine (Hof), halogénophénylalanine (par exemple 4-chlorophénylalanine (4-Cl-Phe)), dihalogénophénylalanine (par exemple 3,4-dichlorophénylalanine (3,4-di-Cl-Phe)), alkylphénylalanine (par exemple 4-méthylphénylalanine (4-Me-Phe)), nitrophénylalanine (par exemple 4-nitrophénylalanine (4- NO_2 -Phe)), 3-pyridylalanine (3-Pya), 2-thiénylalanine (Tha), 2-furylalanine (Fua), 1-naphtylalanine (1-Nal), 2-naphtylalanine (2-Nal), phénylglycine (Phg), et 3-nitrotyrosine (3- NO_2 -Tyr),
 55

X₂ et X₉

représentent un résidu d'acide aminé naturel ou non naturel, de configuration D ou L, et sont choisis indépendamment parmi les résidus d'acides aminés possédant une chaîne latérale à caractère aliphatique, représentés par la formule suivante :



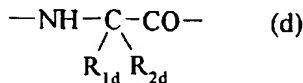
dans laquelle :

R_{1b} représente un atome d'hydrogène, et R_{2b} représente un atome d'hydrogène ou un groupement alkyl, ou cycloalkyle,

parmi ces résidus on peut citer plus spécifiquement les résidus glycine (Gly), alanine (Ala), valine (Val), leucine (Leu), isoleucine (Ile), acide 2-aminobutyrique (Abu), 2-aminoisobutyrique (Aib), β-cyclohexylalanine (Cha), homoleucine (Hol), norleucine (Nle), norvaline (Nva), et tert-leucine (Tle),

X₃ et X₆

représentent un résidu d'acide aminé naturel ou non naturel, de configuration D ou L, et sont choisis indépendamment parmi les résidus d'acides aminés possédant une chaîne latérale capable d'établir des interactions ioniques, représentés par la formule suivante :



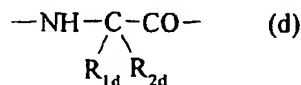
dans laquelle :

R_{1d} représente un atome d'hydrogène, et R_{2d} représente un groupement aminoalkyle, thioalkyle, hydroxyalkyle, carboxyalkyle, guanidinoalkyle, imidazolyle, ou imidazolylalkyle,

parmi ces résidus on peut citer plus spécifiquement les résidus acide aspartique (Asp), acide glutamique (Glu), lysine (Lys), arginine (Arg), histidine (His), sérine (Ser), thréonine (Thr), cystéine (Cys), tyrosine (Tyr), acide diaminoacétique (NH-Gly), acide diaminobutyrique (Dab), acide diaminopropionique (Dapa), ornithine (Orn), et méthionine (Met),

X₄, X₇, X₁₀ et X₁₂

représentent un résidu d'acide aminé naturel ou non naturel, de configuration D ou L, et sont choisis indépendamment parmi les résidus d'acides aminés possédant une chaîne latérale capable d'établir des interactions ioniques, représentés par la formule suivante :

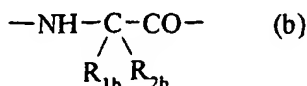


dans laquelle :

R_{1d} représente un atome d'hydrogène, et R_{2d} représente un groupement aminoalkyle, thioalkyle, hydroxyalkyle, carboxyalkyle, guanidinoalkyle, imidazolyle, ou imidazolylalkyle,

parmi ces résidus on peut citer plus spécifiquement les résidus acide aspartique (Asp), acide glutamique (Glu), lysine (Lys), arginine (Arg), histidine (His), sérine (Ser), thréonine (Thr), cystéine (Cys), tyrosine (Tyr), acide diaminoacétique (NH-Gly), acide diaminobutyrique (Dab), acide diaminopropionique (Dapa), ornithine (Orn), et méthionine (Met),

ou bien sont choisis indépendamment parmi les résidus d'acides aminés possédant une chaîne latérale à caractère aliphatique, représentés par la formule suivante :



dans laquelle :

R_{1b} représente un atome d'hydrogène, et R_{2b} représente un atome d'hydrogène ou un groupement alkyl, ou cycloalkyle,

parmi ces résidus on peut citer plus spécifiquement les résidus glycine (Gly), alanine (Ala), valine (Val), leucine (Leu), isoleucine (Ile), acide 2-aminobutyrique (Abu), 2-aminoisobutyrique (Aib), β -cyclohexylalanine (Cha), homoleucine (Hol), norleucine (Nle), norvaline (Nva), et tert-leucine (Tle),

X_5 représente un résidu valine (Val),

X_8 et X_{14} représentent indépendamment un résidu leucine (Leu) de configuration D ou L,

X_{13} représente un résidu tryptophane (Trp),

X_{15} représente une liaison ou un résidu argine (Arg),

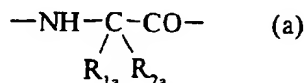
leurs sels d'addition à un acide ou à une base pharmaceutiquement acceptable.

[0018] Un autre aspect avantageux de l'invention concerne les composés de formule (I) pour lesquels :

Z_1 , représente un atome d'hydrogène,

Z_2 , représente un groupement choisi parmi hydroxy, alkoxy (C_1 - C_6) linéaire ou ramifié, ou amino,

X_1 et X_{11} représentent un résidu d'acide aminé naturel ou non naturel, de configuration D ou L, et sont choisis indépendamment parmi les résidus d'acides aminés possédant une chaîne latérale à caractère aromatique, représentés par la formule suivante :

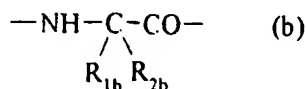


dans laquelle :

R_{1a} représente un atome d'hydrogène, et R_{2a} représente un groupement cycloalkyle fusionné avec un cycle insaturé tel que défini précédemment, et éventuellement substitué, ou un groupement aryle éventuellement substitué, arylalkyle éventuellement substitué, hétéroaryle éventuellement substitué, hétéroarylalkyle éventuellement substitué, imidazolyle, ou imidazolylalkyle,

parmi ces résidus possédant une chaîne latérale à caractère aromatique on peut citer plus spécifiquement les résidus phénylalanine (Phe), histidine (His), tyrosine (Tyr), tryptophane (Trp), homophénylalanine (Hof), halogénophénylalanine (par exemple 4-chlorophénylalanine (4-Cl-Phe)), dihalogénophénylalanine (par exemple 3,4-dichlorophénylalanine (3,4-di-Cl-Phe)), alkylphénylalanine (par exemple 4-méthylphénylalanine (4-Me-Phe)), nitrophénylalanine (par exemple 4-nitrophénylalanine (4-NO₂-Phe)), 3-pyridylalanine (3-Pya), 2-thiénylalanine (Tha), 2-furylalanine (Fua), 1-naphtylalanine (1-Nal), 2-naphtylalanine (2-Nal), phénylglycine (Phg), et 3-nitrotyrosine (3-NO₂-Tyr),

X_2 et X_9 représentent un résidu d'acide aminé naturel ou non naturel, de configuration D ou L, et sont choisis indépendamment parmi les résidus d'acides aminés possédant une chaîne latérale à caractère aliphatique, représentés par la formule suivante :

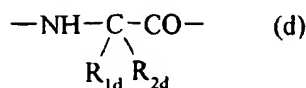


dans laquelle :

R_{1b} représente un atome d'hydrogène, et R_{2b} représente un atome d'hydrogène ou un groupement alkyl, ou cycloalkyle,

parmi ces résidus on peut citer plus spécifiquement les résidus glycine (Gly), alanine (Ala), valine (Val), leucine (Leu), isoleucine (Ile), acide 2-aminobutyrique (Abu), 2-aminoisobutyrique (Aib), β -cyclohexylalanine (Cha), homoleucine (Hol), norleucine (Nle), norvaline (Nva), et tert-leucine (Tle),

X_3 et X_6 représentent un résidu d'acide aminé naturel ou non naturel, de configuration D ou L, et sont choisis indépendamment parmi les résidus d'acides aminés possédant une chaîne latérale capable d'établir des interactions ioniques, représentés par la formule suivante :

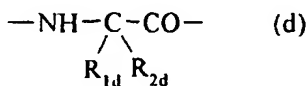


dans laquelle :

R_{1d} représente un atome d'hydrogène, et R_{2d} représente un groupement aminoalkyle, thioalkyle, hydroxyalkyle, carboxyalkyle, guanidinoalkyle, imidazolyle, ou imidazolylalkyle,

parmi ces résidus on peut citer plus spécifiquement les résidus acide aspartique (Asp), acide glutamique (Glu), lysine (Lys), arginine (Arg), histidine (His), sérine (Ser), thréonine (Thr), cystéine (Cys), tyrosine (Tyr), acide diaminoacétique (NH-Gly), acide diaminobutyrique (Dab), acide diaminopropionique (Dapa), ornithine (Orn), et méthionine (Met),

X_4 , X_7 et X_{10} représentent un résidu d'acide aminé naturel ou non naturel, de configuration D ou L, et sont choisis indépendamment parmi les résidus d'acides aminés possédant une chaîne latérale capable d'établir des interactions ioniques, représentés par la formule suivante :



dans laquelle :

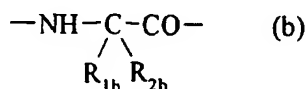
R_{1d} représente un atome d'hydrogène, et R_{2d} représente un groupement aminoalkyle, thioalkyle, hydroxyalkyle, carboxyalkyle, guanidinoalkyle, imidazolyle, ou imidazolylalkyle,

parmi ces résidus on peut citer plus spécifiquement les résidus acide aspartique (Asp), acide glutamique (Glu), lysine (Lys), arginine (Arg), histidine (His), sérine (Ser), thréonine (Thr), cystéine (Cys), tyrosine (Tyr), acide diaminoacétique (NH-Gly), acide diaminobutyrique (Dab), acide diaminopropionique (Dapa), ornithine (Orn), et méthionine (Met),

X_5 représente un résidu valine (Val),

X_8 et X_{14} représentent indépendamment un résidu leucine (Leu) de configuration D ou L,

X_{12} représente un résidu d'acide aminé naturel ou non naturel, de configuration D ou L, et est choisi parmi les résidus d'acides aminés possédant une chaîne latérale à caractère aliphatique, représentés par la formule suivante :



dans laquelle :

R_{1b} représente un atome d'hydrogène, et R_{2b} représente un atome d'hydrogène ou un groupement alkyl, ou cycloalkyle,

parmi ces résidus on peut citer plus spécifiquement les résidus glycine (Gly), alanine (Ala), valine (Val), leucine (Leu), isoleucine (Ile), acide 2-aminobutyrique (Abu), 2-aminoisobutyrique (Aib), β -cyclohexylalanine (Cha), homoleucine (Hol), norleucine (Nle), norvaline (Nva), et tert-leucine (Tle),

X_{13} représente un résidu tryptophane (Trp),

X_{15} représente une liaison ou un résidu arginine (Arg),

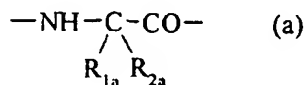
leurs sels d'addition à un acide ou à une base pharmaceutiquement acceptable.

[0019] Un autre aspect avantageux de l'invention concerne les composés de formule (I) pour lesquels :

Z_1 , représente un atome d'hydrogène,

Z_2 , représente un groupement choisi parmi hydroxy, alkoxy (C_1 - C_6) linéaire ou ramifié, ou amino,

X_1 et X_{11} représentent un résidu d'acide aminé naturel ou non naturel, de configuration D ou L, et sont choisis indépendamment parmi les résidus d'acides aminés possédant une chaîne latérale à caractère aromatique, représentés par la formule suivante :



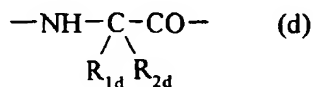
dans laquelle :

R_{1a} représente un atome d'hydrogène, et R_{2a} représente un groupement cycloalkyle fusionné avec un cycle insaturé tel que défini précédemment, et éventuellement substitué, ou un groupement aryle éventuellement substitué, arylalkyle éventuellement substitué, hétéroaryle éventuellement substitué, hétéroarylalkyle éventuellement substitué, imidazolyle, ou imidazolylalkyle,

parmi ces résidus possédant une chaîne latérale à caractère aromatique on peut citer plus spécifiquement les résidus phénylalanine (Phe), histidine (His), tyrosine (Tyr), tryptophane (Trp), homophénylalanine (Hof), halogénophénylalanine (par exemple 4-chlorophénylalanine (4-Cl-Phe)), dihalogénophénylalanine (par exemple 3,4-dichlorophénylalanine (3,4-di-Cl-Phe)), alkylphénylalanine (par exemple 4-méthylphénylalanine (4-Me-Phe)), nitrophénylalanine (par exemple 4-nitrophénylalanine (4-NO₂-Phe)), 3-pyridylalanine (3-Pya), 2-thiénylalanine (Tha), 2-furylalanine (Fua), 1-naphtylalanine (1-Nal), 2-naphtylalanine (2-Nal), phénylglycine (Phg), et 3-nitrotyrosine (3-NO₂-Tyr),

X_2 et X_9 représentent indépendamment un résidu alanine (Ala) de configuration D ou L,

X_3 et X_6 représentent un résidu d'acide aminé naturel ou non naturel, de configuration D ou L, et sont choisis indépendamment parmi les résidus d'acides aminés possédant une chaîne latérale capable d'établir des interactions ioniques, représentés par la formule suivante :



dans laquelle :

R_{1d} représente un atome d'hydrogène, et R_{2d} représente un groupement aminoalkyle, thioalkyle, hydroxyalkyle, carboxyalkyle, guanidinoalkyle, imidazolyle, ou imidazolylalkyle,

parmi ces résidus on peut citer plus spécifiquement les résidus acide aspartique (Asp), acide glutamique (Glu), lysine (Lys), arginine (Arg), histidine (His), sérine (Ser), thréonine (Thr), cystéine (Cys), tyrosine (Tyr), acide diaminoacétique (NH-Gly), acide diaminobutyrique (Dab), acide diaminopropionique (Dapa), ornithine (Orn), et méthionine (Met),

X_4 représente un résidu de l'acide aspartique (Asp),

X_5 représente un résidu valine (Val),

X_7 représente un résidu tyrosine (Tyr),

X_8 et X_{14} représentent indépendamment un résidu leucine (Leu) de configuration D ou L,

X_{10} représente un résidu glytamine (Glu),

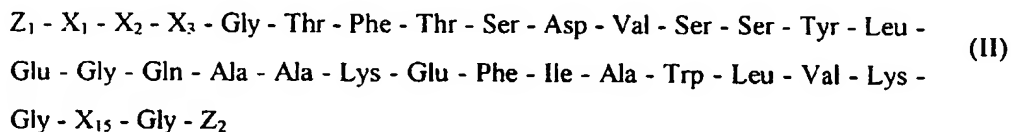
X_{12} représente un résidu isoleucine (Ile),

X_{13} représente un résidu tryptophane (Trp),

X_{15} représente une liaison ou un résidu arginine (Arg),

leurs sels d'addition à un acide ou à une base pharmaceutiquement acceptable.

[0020] La présente invention concerne plus préférentiellement les composés peptidiques de formule (II):

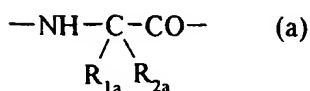


dans laquelle :

Z_1 , représente un atome d'hydrogène,

Z_2 , représente un groupement choisi parmi hydroxy, alkoxy (C_1 - C_6) linéaire ou ramifié, ou amino,

X_1 , représente un résidu d'acide aminé naturel ou non naturel de configuration D ou L, possédant une chaîne latérale à caractère aromatique, représenté par la formule suivante :

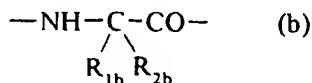


dans laquelle :

R_{1a} représente un atome d'hydrogène, et R_{2a} représente un groupement cycloalkyle fusionné avec un cycle insaturé tel que défini précédemment, et éventuellement substitué, ou un groupement aryle éventuellement substitué, arylalkyle éventuellement substitué, hétéroaryle éventuellement substitué, hétéroarylalkyle éventuellement substitué, imidazolyle, ou imidazolylalkyle,

parmi ces résidus possédant une chaîne latérale à caractère aromatique on peut citer plus spécifiquement les résidus phénylalanine (Phe), histidine (His), tyrosine (Tyr), tryptophane (Trp), homophénylalanine (Hof), halogénophénylalanine (par exemple 4-chlorophénylalanine (4-Cl-Phe)), dihalogénophénylalanine (par exemple 3,4-dichlorophénylalanine (3,4-di-Cl-Phe)), alkylphénylalanine (par exemple 4-méthylphénylalanine (4-Me-Phe)), nitrophénylalanine (par exemple 4-nitrophénylalanine (4-NO₂-Phe)), 3-pyridylalanine (3-Pya), 2-thiénylalanine (Tha), 2-furylalanine (Fua), 1-naphtylalanine (1-Nal), 2-naphtylalanine (2-Nal), phénylglycine (Phg), et 3-nitrotyrosine (3-NO₂-Tyr).

X_2 , représente un résidu d'acide aminé naturel ou non naturel de configuration D ou L, possédant une chaîne latérale à caractère aliphatique, représenté par la formule suivante :

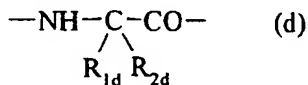


dans laquelle :

R_{1b} représente un atome d'hydrogène, et R_{2b} représente un atome d'hydrogène ou un groupement alkyl, ou cycloalkyle,

parmi ces résidus on peut citer plus spécifiquement les résidus glycine (Gly), alanine (Ala), valine (Val), leucine (Leu), isoleucine (Ile), acide 2-aminobutyrique (Abu), 2-aminoisobutyrique (Aib), β -cyclohexylalanine (Cha), homoleucine (Hol), norleucine (Nle), norvaline (Nva), et tert-leucine (Tle),

X_3 , représente un résidu d'acide aminé naturel ou non naturel de configuration D ou L, possédant une chaîne latérale capable d'établir des interactions ioniques, représenté par la formule suivante :



dans laquelle :

R_{1d} représente un atome d'hydrogène, et R_{2d} représente un groupement aminoalkyle, thioalkyle, hydroxyalkyle, carboxyalkyle, guanidinoalkyle, imidazolyle, ou imidazolylalkyle,

parmi ces résidus on peut citer plus spécifiquement les résidus acide aspartique (Asp), acide glutamique (Glu), lysine (Lys), arginine (Arg), histidine (His), sérine (Ser), thréonine (Thr), cystéine (Cys), tyrosine (Tyr), acide diaminoacétique (NH-Gly), acide diaminobutyrique (Dab), acide diaminopropionique (Dapa), ornithine (Orn), et méthionine (Met),

X_{15} , représente une liaison ou un résidu arginine,

étant entendu que les restrictions concernant les composés définis dans la formule (1) s'appliquent aux dérivés de formule (II).

5 [0021] De façon plus spécifique, dans les composés de formule (II), X_{15} représente une liaison.
Parmi les composés de formule (II), on préférera les composés pour lesquels X_2 représente un résidu alanine (Ala) de configuration D ou L tandis que X_{15} représente une liaison. Parmi les composés préférés de l'invention on peut citer plus particulièrement les peptides suivants :

10

15

20

25

30

35

40

45

50

55

- 5
 • His - Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - (D)-Leu -
 Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly -
 Arg - Gly - NH₂
- 10
 • Trp - Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu -
 Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - (D)-Leu - Val - Lys - Gly -
 Arg - Gly - NH₂
- 15
 • Trp - Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu -
 Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Arg -
 Gly - NH₂
- 20
 • His - Ala - Gln - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Val - Leu - Glu -
 Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Arg -
 Gly - NH₂
- 25
 • His - Ala - His - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Val - Leu - Glu -
 Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Arg -
 Gly - NH₂
- 30
 • His - Ala - (D)-Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu -
 Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly -
 Gly - NH₂
- 35
 • His - (D)-Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu -
 Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly -
 Gly - NH₂
- 40
 • His - Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu -
 Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly -
 NH₂
- 45
 • His - Leu - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu -
 Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly -
 NH₂
- 50
 • His - Val - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu -
 Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly -
55
 NH₂

- Afp - Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly - NH₂
- His - Ala - Asp - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly - NH₂
- His - Ala - Ser - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly - NH₂
- His - Ala - Lys - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly - NH₂
- Phe - (D)-Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Lys - Tyr - Leu - Glu - Gly - Gln - Ala - Val - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly - NH₂
- Phe - (D)-Ala - Gln - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Val - (D)-Leu - Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly - NH₂
- His - Ala - Leu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly - NH₂
- His - Ala - Met - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly - NH₂
- His - Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Trp - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly - NH₂
- His - Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Ile - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly - NH₂

- 5 • His - Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Val - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly - NH₂
- 10 • His - Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - His - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly - NH₂
- 15 • His - Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Asp - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly - NH₂
- 20 • His - Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Leu - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly - NH₂
- 25 • His - Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Val - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly - NH₂
- 30 • His - Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Tyr - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly - NH₂
- 35 • His - Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Arg - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly - NH₂
- 40 • His - Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Glu - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly - NH₂
- 45 • Phe - Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly - NH₂
- 50 • His - Ala - Lys - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Arg - Gly - NH₂
- 55 • His - Ala - Lys - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Arg - Gly - NH₂

- His - Ala - Met - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Arg - Gly - NH₂
 - His - Ala - Leu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Arg - Gly - NH₂
 - His - Ala - Ser - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Arg - Gly - NH₂
 - His - Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - (D)-Leu - Val - Lys - Gly - Arg - Gly - NH₂
- [0022] L'invention s'étend également au procédé de préparation des composés de formule (I) qui peuvent être obtenus par différentes méthodes telles que la synthèse séquentielle sur phase solide, la synthèse et le couplage de fragments en solution, la synthèse enzymatique, ou en utilisant des techniques de biologie moléculaire.
- [0023] Les méthodes générales de synthèse des peptides sur phase solide ont été décrites par B.W. Erickson et R. B. Merrifield ("The proteins", Solid. Phase Peptide Synthesis, 3^{ème} édition, 1976, 257).
- [0024] La synthèse sur phase solide est réalisée sur un automate qui effectue de façon répétitive et programmable des cycles de déprotection, couplage et lavages nécessaires à l'introduction séquentielle des acides aminés dans la chaîne peptidique.
- [0025] L'acide aminé C-terminal est fixé sur une résine conventionnellement utilisée pour la préparation de polypeptides, de préférence un polystyrène réticulé à l'aide de 0,5 à 3,0 % de divinylbenzène et muni de restes activés qui permettent la fixation covalente du premier acide aminé sur la résine. Le choix approprié de la résine permet la formation après synthèse d'une fonction C-terminale acide carboxylique, amide, alcool ou ester.
- [0026] Les acides aminés sont alors introduits un à un dans l'ordre déterminé par l'opérateur. Chaque cycle de synthèse correspondant à l'introduction d'un acide aminé, comporte une déprotection, N-terminale de la chaîne peptidique, des lavages successifs destinés à éliminer les réactifs ou à gonfler la résine, un couplage avec activation de l'acide aminé et de nouveaux lavages. Chacune de ces opérations est suivie d'une filtration réalisée grâce à la présence d'un verre fritté incorporé au réacteur dans lequel s'effectue la synthèse.
- [0027] Les réactifs de couplage utilisés sont des réactifs classiques de la synthèse peptidique comme le dicyclohexylcarbodiimide (DCC) et l'hydroxybenzotriazole (HOBT) ou le benzotriazol-1-yl-oxytris (diméthylamino) phosphonium hexafluorophosphate (BOP) ou encore le diphénylphosphorylazide (DPPA).
- [0028] Des activations par formation d'anhydrides mixtes ou symétriques sont également possibles.
- [0029] Chaque acide aminé est introduit dans le réacteur 6 fois en excès environ, par rapport au degré de substitution de la résine et en quantité environ équivalent par rapport aux agents de couplage. La réaction de couplage peut être vérifiée à chaque étape de la synthèse par le test de réaction à la ninhydrine décrit par E. KAISER et Coll. (Anal. Biochem., 34, 595, 1970).
- [0030] Après assemblage de la chaîne peptidique sur la résine, un traitement approprié, par exemple à l'aide d'un acide fort tel que l'acide trifluoroacétique, ou l'acide fluorhydrique en présence d'anisole, d'éthanedithiol ou de 2-méthylindole sert à séparer le peptide de la résine ainsi qu'à libérer le peptide de ses groupes protecteurs. Le composé est alors purifié par des techniques classiques de purification, notamment chromatographiques.
- [0031] Les peptides de la présente invention peuvent être également obtenus par couplage en solution de fragments peptidiques sélectivement protégés, qui peuvent être préparés eux-mêmes soit sur phase solide, soit en solution. L'emploi des groupes protecteurs et la mise à profit de leur stabilité différentielle est analogue aux méthodes sur phase solide à l'exception de l'attachement de la chaîne peptidique sur la résine. Le groupe carboxylique C-terminal est protégé, par exemple, par un ester méthylique ou une fonction amide. Les méthodes d'activation lors des couplages

sont également analogues à celles employées dans la synthèse sur phase solide.

[0032] Les peptides de la présente invention peuvent aussi être obtenus en utilisant des techniques de biologie moléculaire, en utilisant des séquences d'acide nucléique codant pour ces peptides. Ces séquences peuvent être des ARN ou des ADN et être associées à des séquences de contrôle et/ou insérées dans des vecteurs. Ces derniers sont ensuite transfectés dans des cellules hôtes, par exemple des bactéries. La préparation de ces vecteurs ainsi que leur production ou expression dans un hôte sont réalisées par les techniques classiques de biologie moléculaire et de génie génétique.

[0033] La synthèse de peptides contenant des liaisons pseudopeptidiques est effectuée soit par les méthodes en solution soit de façon combinée avec la synthèse sur phase solide en utilisant les méthodes classiques de la chimie organique. Ainsi, par exemple, l'introduction de la liaison $-CH_2-NH$ se fait en préparant en solution l'aldéhyde Fmoc-NH-CHR-CHO selon la technique décrite par FEHRENTZ et CASTRO (Synthesis, 676-678, 1983) et en le condensant avec la chaîne peptidique croissante soit sur phase solide selon la technique décrite par SASAKI et COY (Peptides, 8, 119-121, 1988), soit en solution.

[0034] La présente invention a également pour objet les compositions pharmaceutiques renfermant comme principe actif au moins un composé de formule générale (I) ou un de ses sels d'addition à un acide ou à une base pharmaceutiquement acceptable, seul ou en combinaison avec un ou plusieurs excipients ou véhicules inertes, non toxiques.

[0035] Parmi les compositions pharmaceutiques selon l'invention, on pourra citer plus particulièrement celles qui conviennent pour l'administration orale, parentérale, nasale, les comprimés simples ou dragéifiés, les comprimés sublinguaux, les sachets, les paquets, les gélules, les suppositoires, crèmes, pommades, gels dermiques, dispositifs transdermiques, les aérosols, ampoules buvables et injectables...

[0036] La posologie varie selon l'âge et le poids du patient, la nature et la sévérité de l'affection ainsi que la voie d'administration.

[0037] Celle-ci peut être orale (incluant la voie inhalée, gingivale et sublinguale), nasale, rectale, parentérale ou transdermique. D'une manière générale, elle s'échelonne entre 10 μ g et 500 mg pour un traitement en une ou plusieurs prises par 24 heures selon la voie d'administration et la forme galénique utilisée.

[0038] Les exemples suivants illustrent l'invention et ne la limitent en aucune façon.

[0039] Par convention dans les exemples ci-dessous, les acides aminés dont les abréviations commencent par une lettre majuscule sans aucune autre précision sont de configuration L. Les acides aminés de configuration D seront précédés du symbole : (D).

EXEMPLE 1:

[0040]

His - Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - (D)-Leu -
Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly -
Arg - Gly - NH_2

[0041] Le composé de l'exemple 1 est synthétisé à l'échelle de 0,1 mmole à partir d'une résine Fmoc-PAL-PEG-PS, en utilisant un appareil en flux continu, en suivant le protocole répétitif suivant :

N° opération	Fonction	Solvant / Réactif	Temps
1	lavage	DMF	5 min
2	déprotection	20 % pipéridine/DMF	15 min
3	lavage	DMF	15 min
4	couplage	Acide aminé / DIPCDI / HOBt	60 min
5	lavage	20 % pipéridine / DMF	5 min
6	lavage	DMF	5 min
7	lavage	dichlorométhane	5 min

[0042] Chaque opération, effectuée à température ambiante, est suivie d'une filtration à travers un verre fritté incorporé à la cellule de verre (réacteur) dans laquelle la synthèse progresse. Le filtre retient la résine sur laquelle est fixée

la chaîne peptidique croissante.

[0043] Chaque acide aminé (6 équivalents) est assemblé en utilisant la diisopropylcarbodiimide (DIPCDI) en présence d'hydroxy-1-benzotriazole (HOBt) comme agent de couplage.

5 [0044] Après incorporation du dernier acide aminé, on obtient un peptide, protégé sur ses chaînes latérales et fixé sur la résine. Le support est alors séché sous vide poussé pendant 3 heures. Il est ensuite traité par 50 ml de réactif K (acide trifluoroacétique 82,5 %, phénol 5 %, eau 5 %, thioanisole 5 %, éthanedithiol 2,5 %). Le mélange est alors laissé à température ambiante avec agitation occasionnelle pendant 12 heures, puis filtré dans un erlen contenant environ 200 ml d'éther éthylique. Le peptide précipite, et est isolé par filtration ou centrifugation. Il est ensuite séché sous vide poussé en présence de pastilles de potasse pendant 12 heures, puis purifié par CLHP préparative sur 10 colonne de phase inverse (C₁₈) en utilisant un gradient eau-acétonitrile. Les fractions contenant le peptide sont rassemblées puis lyophilisées.

Spectre de masse : ESI - MS : m/z = 3356

[0045] Les exemples suivants ont été préparés en utilisant le mode opératoire décrit dans l'exemple 1, en utilisant les acides aminés nécessaires.

15

EXEMPLE 2 :

[0046]

20

Trp - Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu -
Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - (D)-Leu - Val - Lys - Gly -
25 Arg - Gly - NH₂

Spectre de Masse : ESI - MS : m/z = 3404

EXEMPLE 3 :

30

[0047]

35

Trp - Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu -
Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Arg -
Gly - NH₂

40

Spectre de masse : ESI - MS : m/z = 3404

EXEMPLE 4 :

45

[0048]

50

His - Ala - Gln - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Val - Leu - Glu -
Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Arg -
Gly - NH₂

55

Spectre de masse : ESI - MS : m/z = 3290

EXEMPLE 5:

[0049]

5

His - Ala - His - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Val - Leu - Glu -
 Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Arg -
 10 Gly - NH₂

Spectre de masse : ESI - MS : m/z = 3299

15

EXEMPLE 6 :

[0050]

20

His - Ala - (D)-Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu -
 Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly -
 25 Gly - NH₂

25

Spectre de masse : ESI - MS : m/z = 3184**EXEMPLE 7:**

30

[0051]

35

His - (D)-Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu -
 Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly -
 40 Gly - NH₂

40

Spectre de masse : ESI - MS : m/z = 3188**EXEMPLE 8:**

45

[0052]

50

His - Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu -
 Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly -
 55 NH₂

55

Spectre de masse : ESI - MS : m/z = 3186

EXEMPLE 9 :

[0053]

5

His - Leu - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu -
 Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly -
 10 NH₂

Spectre de masse : ESI - MS : m/z = 3241

15

EXEMPLE 10 :

[0054]

20

His - Val - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu -
 Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly -
 25 NH₂

25

Spectre de masse : ESI - MS : m/z = 3227

EXEMPLE 11 :

30

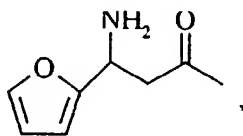
[0055]

35

Afp - Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu -
 Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly -
 40 NH₂

avec Afp représentant

45



résidu correspondant à l'acide 3-amino-3-(2-furyl)propanoïque

Spectre de masse : ESI - MS : m/z = 3196

55

EXEMPLE 12 :**[0056]**

5

His - Ala - Asp - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu -
 Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly -
 10 NH₂

Spectre de masse : ESI - MS : m/z = 3180**EXEMPLE 13 :**

15

[0057]

20

His - Ala - Ser - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu -
 Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly -
 25 NH₂

Spectre de masse : ESI - MS : m/z = 3152**EXEMPLE 14:**

30

[0058]

35

His - Ala - Lys - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu -
 Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly -
 40 NH₂

Spectre de masse : ESI - MS : m/z = 3194

40

EXEMPLE 15:**[0059]**

45

Phe - (D)-Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Lys - Tyr - Leu -
 Glu - Gly - Gln - Ala - Val - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly -
 50 Gly - NH₂

Spectre de masse : ESI - MS : m/z = 3274

55

EXEMPLE 16:**[0060]**

5

Phe - (D)-Ala - Gln - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Val - (D)-Leu
 - Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly -
 Gly - NH₂

10

Spectre de masse: ESI - MS : m/z = 3138**EXEMPLE 17:**

15

[0061]

20

His - Ala - Leu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu -
 Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly -
 NH₂

25

Spectre de masse: ESI - MS : m/z = 3178**EXEMPLE 18:****[0062]**

30

His - Ala - Met - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu -
 Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly -
 NH₂

35

Spectre de masse: ESI - MS : m/z = 3201

40

EXEMPLE 19:**[0063]**

45

His - Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu -
 Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Trp - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly -
 NH₂

50

Spectre de masse: ESI - MS : m/z = 3234

55

EXEMPLE 20 :**[0064]**

5

His - Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu -
 Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Ile - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly -
 NH₂

10

Spectre de masse : ESI - MS : m/z = 3162**EXEMPLE 21:**

15

[0065]

20

His - Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu -
 Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Val - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly -
 NH₂

25

Spectre de masse : ESI - MS : m/z = 3146**EXEMPLE 22 :**

30

[0066]

35

His - Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu -
 Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - His - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly -
 NH₂

40

Spectre de masse : ESI - MS : m/z = 3184**EXEMPLE 23 :****[0067]**

45

His - Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu -
 Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Asp - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly -
 NH₂

50

Spectre de masse : ESI - MS : m/z = 3162

55

EXEMPLE 24 :**[0068]**

5

His - Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu -
 Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Leu - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly -
 10 NH₂

Spectre de masse : ESI - MS : m/z = 3194

15

EXEMPLE 25 :**[0069]**

20

His - Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu -
 Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Val - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly -
 25 NH₂

25

Spectre de masse : ESI - MS : m/z = 3180**EXEMPLE 26 :**

30

[0070]

35

His - Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu -
 Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Tyr - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly -
 40 NH₂

40

Spectre de masse : ESI - MS : m/z = 3245**EXEMPLE 27 :****[0071]**

45

His - Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu -
 Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Arg - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly -
 50 NH₂

50

Spectre de masse : ESI - MS : m/z = 3238

55

EXEMPLE 28 :**[0072]**

5

His - Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu -
 Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Glu - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly -
 10 NH₂

Spectre de masse : ESI - MS : m/z = 3210**EXEMPLE 29 :**

15

[0073]

Phe - Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu -
 20 Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly -
 NH₂

25 Spectre de masse : ESI - MS : m/z = 3206**EXEMPLE 30 :****[0074]**

30

His - Ala - Lys - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu -
 Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Arg -
 35 Gly - NH₂

Spectre de masse : ESI - MS : m/z = 3255

40

EXEMPLE 31 :**[0075]**

His - Ala - Met - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu -
 Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Arg -
 Gly - NH₂

50

Spectre de masse : ESI - MS : m/z = 3354

55

EXEMPLE 32 :**[0076]**

5

His - Ala - Leu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu -
 Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Arg -
 Gly - NH₂

10

Spectre de masse : ESI - MS : m/z = 3334**EXEMPLE 33 :**

15

[0077]

20

His - Ala - Ser - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu -
 Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Arg -
 Gly - NH₂

25

Spectre de masse : ESI - MS : m/z = 3312**EXEMPLE 34 :**

30

[0078]

35

His - Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu -
 Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - (D)-Leu - Val - Lys - Gly -
 Arg - Gly - NH₂

40

Spectre de masse : ESI - MS : m/z = 3351**EXEMPLE 35 :**

45

[0079]

50

His - (D)-Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Aib - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu -
 Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly -
 Gly - NH₂

55

Spectre de masse : ESI - MS : m/z = 3316

EXEMPLE 36 :**[0080]**

5

His - (D)-Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu -
 Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Nva - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly -
 Gly - NH₂

10

Spectre de masse : ESI - MS : m/z = 3165**EXEMPLE 37 :**

15

[0081]

20

His - (D)-Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu -
 Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Nle - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly -
 Gly - NH₂

25

Spectre de masse : ESI - MS : m/z = 3180**EXEMPLE 38 :**

30

[0082]

35

His - (D)-Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu -
 Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Aib - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly -
 Gly - NH₂

40

Spectre de masse : ESI - MS : m/z = 3152**EXEMPLE 39 :**

45

[0083]

50

His - (D)-Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu -
 Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - (1)-Nal - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly
 - Gly - NH₂

55

Spectre de masse : ESI - MS : m/z = 3230

EXEMPLE 40 :**[0084]**

5

His - (D)-Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu -
 Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - (2)-Nal - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly
 - Gly - NH₂

10

Spectre de masse : ESI - MS : m/z = 3231

15

EXEMPLE 41 :**[0085]**

20

His - (D)-Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu -
 Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phg - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly -
 Gly - NH₂

25

Spectre de masse : ESI - MS : m/z = 3183**EXEMPLE 42 :**

30

[0086]

35

His - (D)-Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu -
 Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Nva - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly -
 Gly - NH₂

40

Spectre de masse : ESI - MS : m/z = 3180**EXEMPLE 43 :****[0087]**

45

50

His - (D)-Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu -
 Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Nle - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly -
 Gly - NH₂

Spectre de masse : ESI - MS : m/z = 3115

55

EXEMPLE 44 :**[0088]**

5

His - (D)-Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Aib - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu -
 Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Aib - (1)-Nal - Nle - Ala - Trp - Leu - Val - Lys -
 Gly - Gly - NH₂

10

Spectre de masse : ESI - MS : m/z = 3158

[0089] En utilisant le procédé décrit dans l'exemple 1, en remplaçant la résine Fmoc-PAL-PEG-PS par une résine Moc-Gly-PAL-PEG-PS, les composés des exemples 45 à 49 sont obtenus.

15

EXEMPLE 45 :**[0090]**

20

His - (D)-Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu -
 Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly -
 Gly - OH

25

Spectre de masse : ESI - MS : m/z = 3192**EXEMPLE 46 :****[0091]**

35

His - Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu -
 Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly -
 OH

40

Spectre de masse : ESI - MS : m/z = 3194**EXEMPLE 47 :**

45

[0092]

His - Ala - Asp - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu -
 Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly -
 OH

50

55 Spectre de masse : ESI - MS : m/z = 3180

EXEMPLE 48 :

[0093]

5

Phe - (D)-Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Lys - Tyr - Leu -
 Glu - Gly - Gln - Ala - Val - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly -
 10 Gly - OH

Spectre de masse : ESI - MS : m/z = 3206**EXEMPLE 49 :**

[0094]

20

His - Ala - Met - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu -
 Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly -
 25 OH

25

Spectre de masse : ESI - MS : m/z = 3198

[0095] En utilisant le procédé décrit dans l'exemple 1, en remplaçant la résine Fmoc-PAL-PEG-PS par une résine
 Fmoc-Gly-PAL-PEG-PS, et en remplaçant le réactif K par un mélange triéthylamine/méthanol, les composés des exem-
 30 ples 50 à 54 sont obtenus.

30

EXEMPLE 50 :

[0096]

35

His - Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu -
 Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Trp - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly -
 40 OH

40

Spectre de masse : ESI - MS : m/z = 3210**EXEMPLE 51 :**

[0097]

50

His - (D)-Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu -
 Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly -
 Gly - OCH₃

55

Spectre de masse : ESI - MS : m/z = 3212

EXEMPLE 52 :

[0098]

5

His - Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu -
Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly -
OCH₃

10

Spectre de masse : ESI - MS : m/z = 3209

EXEMPLE 53 :

15

[0099]

20

His - Ala - Asp - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu -
Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly -
OCH₃

25

Spectre de masse : ESI - MS : m/z = 3197

EXEMPLE 54 :

30

[0100]

35

Phe - (D)-Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Lys - Tyr - Leu -
Glu - Gly - Gln - Ala - Val - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly -
Gly - OCH₃

40

Spectre de masse : ESI - MS : m/z = 3220

[0101] En utilisant le procédé décrit dans l'exemple 1, en remplaçant la résine Fmoc-PAL-PEG-PS par une résine Fmoc-Gly-PAL-PEG-PS, et en remplaçant le réactif K par un mélange triéthylamine/isopropanol, les composés des exemples 55 à 57 sont obtenus.

45

EXEMPLE 55 :

[0102]

50

His - Ala - Met - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu -
Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly -
OCH(CH₃)₂

55

Spectre de masse : ESI - MS : m/z = 3240

EXEMPLE 56 :**[0103]**

His - (D)-Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu -
 Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly -
 Gly - OCH(CH₃)₂

Spectre de masse : ESI - MS : m/z = 3238**EXEMPLE 57 :****[0104]**

His - Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu -
 Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly -
 OCH(CH₃)₂

Spectre de masse : ESI - MS : m/z = 3237**ETUDE PHARMACOLOGIQUE****EXEMPLE A : Etude de liaison aux récepteurs du GLP-1**

[0105] Les études de liaison aux récepteurs du GLP-1 ont été réalisées en utilisant des membranes RIN T3 dans un tampon 60 mM Tris-HCl pH 7.5, contenant 4 % de BSA et 750 µg/ml de bacitracin. Les membranes (20 à 30 µg) sont incubées dans un volume final de 500 µl avec environ 15 fmol de [125I]-GLP-1 (50.000 cpm) et le compétiteur froid pendant 45 min à 37°C. La réaction est arrêtée par addition de 750 µl de tampon KRP froid, pH 7.5 contenant 3 % de BSA. Le milieu est centrifugé à 12.000 × g (4°C, 5 min). Le culot est resuspendu dans 1 ml de tampon KRP froid, sédimenté par une autre centrifugation et la radioactivité est mesurée. Les résultats sont exprimés en IC₅₀.

Résultats :

[0106] Les résultats obtenus révèlent pour les composés de l'invention une très haute affinité pour les récepteurs du GLP-1.

[0107] C'est le cas notamment du composé de l'exemple 7 qui possède une affinité de 3,3.10⁻¹⁰ M.

EXEMPLE B : Détermination du caractère agoniste ou antagoniste

[0108] Le caractère agoniste des composés de l'invention a été déterminé en mesurant la production d'AMP cyclique après activation du récepteur par les différents produits à tester.

[0109] Des cellules RIN T3 sont cultivées pendant 6 jours et le milieu de culture est changé 1 jour avant l'expérience. Les cellules (3.10⁵ par puits) sont lavées deux fois avec du DMEM avant addition de 0,5 ml de DMEM contenant 1 % de BSA, 0,2 ml de IBMX et le peptide à tester. Après 20 minutes d'incubation à 25°C, l'AMPc intracellulaire est extrait, succinylé et quantifié par radioimmuno essai.

[0110] La valeur de référence à 100 % correspond à la production d'AMPc induite par une concentration de 10⁻⁸ M de GLP-1 et la valeur à 0 % correspond à la production basale en l'absence de GLP-1.

[0111] Les résultats sont exprimés en EC₅₀ qui est la concentration qui induit 50 % de la production d'AMPc obtenue par une concentration de 10⁻⁸ M de GLP-1.

Résultats :

[0112] Les composés de l'invention présentent un caractère agoniste. Ils augmentent la production d'AMPc et ont des valeurs d'EC₅₀ nanomolaires ou subnanomolaires. A titre d'exemple, le composé de l'exemple 7 possède une EC₅₀ de 1,02.10⁻⁹ M.

EXEMPLE C : Etude de la stimulation de la production d'insuline sur cellules en culture

[0113] La stimulation de la production d'insuline induite par les composés de l'invention est étudiée sur des cellules Min6 (5 × 10⁵ cellules par plaques dans 0.5 ml de milieu de culture). 18 heures avant l'expérience, le milieu de culture est pipeté et les cellules sont lavées deux fois avec du DRB pH 7.5 contenant 0,1 % de BSA. Les cellules sont alors préincubées pendant une heure dans du DRB-BSA contenant 1mM de glucose et ensuite incubées dans du DRB-BSA contenant différentes concentrations de glucose et de composé à tester. Après incubation, le milieu est collecté, centrifugé pendant 5 minutes et stocké à -20°C. La sécrétion d'insuline est déterminée par radioimmuno essai en utilisant de l'insuline porcine marquée à l'iode 125 et l'anticorps antiinsuline de Kervran de cochon d'Inde.

Résultats :

[0114] Les composés de l'invention sont capables de stimuler la sécrétion d'insuline de façon plus importante que le GLP-1.

EXEMPLE D : Etude de la stabilité métabolique

[0115] Chaque composé est dissout dans 50 mg/ml de BSA dans une solution aqueuse à 1 % d'acide trifluoroacétique, de façon à obtenir une concentration de 1 mg/ml.

[0116] Un aliquot de 50 µg/ml d'une solution contenant le peptide à étudier est incubée dans du plasma humain à 37°C. Une méthode d'analyse en ligne par CLHP permet de mesurer la quantité de peptide au temps T₀, puis après 5, 10, 15, 30 et 60 minutes d'incubation.

[0117] Des échantillons de 50 µl de la solution à 1 mg/ml du peptide préparée précédemment est ajoutée à 940 µl de TRIS 0,1M à pH=8,0. Après analyse de la solution par CLHP afin de doser la quantité de peptide, 10 µl d'une solution aqueuse contenant 48 milliunités de Dipeptidyl peptidase IV (DPP IV) sont ajoutés, et les échantillons sont analysés par CLHP au temps T₀ et après 10 minutes d'incubation à 37°C.

[0118] Les résultats des mesures permettent d'évaluer la quantité de peptide restant et sont exprimés en pourcentage par rapport à T₀.

Résultats :

[0119] Il apparaît que les composés de l'invention possèdent une stabilité supérieure à celle du peptide naturel.

[0120] A titre d'exemple, les résultats obtenus avec le GLP-1 et avec le composé de l'exemple 7 sont regroupés dans le tableau suivant :

Composé	Temps d'incubation	Plasma humain (% peptide restant)	DPP IV % peptide restant
Exemple 7	5	100	-
	10	100	100
	15	100	-
	30	100	-
	60	100	-
GLP-1	5	83	-
	10	65	8
	15	53	-
	30	29	-
	60	10	-

EXEMPLE E : Activité antihyperglycémiant

[0121] L'activité antihyperglycémiant des dérivés de l'invention a été recherchée sur des rats mâles normaux Wistar d'environ 250 g âgés de trois mois.

L'homéostasie a été évaluée par un test de tolérance au glucose.

.Test de tolérance au glucose par voie intraveineuse (IVGTT)

[0122] Le glucose est dissout dans une solution aqueuse de NaCl à 0,9 % et administré par la voie de la veine saphène à des rats anesthésiés au pentobarbital (60 mg.kg⁻¹, *IP*). Les échantillons de sang sont collectés séquentiellement par les vaisseaux de la queue avant et 2, 5, 10, 15, 20 et 30 minutes après l'injection du glucose. Ils sont ensuite centrifugés et le plasma est séparé. La concentration en glucose plasmatique est déterminée immédiatement sur un aliquot de 10 µl et le plasma restant est conservé à -20°C, jusqu'à la détermination de la concentration en insuline par radioimmuno essai.

[0123] Une injection unique en *iv* du produit à tester est effectuée à des rats à jeun anesthésiés au pentobarbital immédiatement après la charge en glucose selon le protocole décrit par Hendrick et al. (Metabolism, 1993, 42, 1).

. Méthodes analytiques

[0124] La concentration en glucose plasmatique est déterminée par utilisation d'un analyseur de glucose (Beckman Inc., Fullerton, CA). La tolérance au glucose est mesurée par rapport à deux paramètres : ΔG et K.

[0125] ΔG représente l'augmentation de la glycémie au dessus de la ligne de base, intégrée sur une période de 30 minutes, après surcharge en glucose à la dose de 1 g/kg.

K est la vitesse de disparition du glucose entre 5 et 30 minutes, après administration du glucose.

[0126] Il apparaît que les composés de l'invention ont une activité insulinosécrétrice et antihyperglycémiant équivalente ou supérieure à celle du GLP₁, présentent une durée d'action supérieure et une plus grande stabilité métabolique *in vivo*.

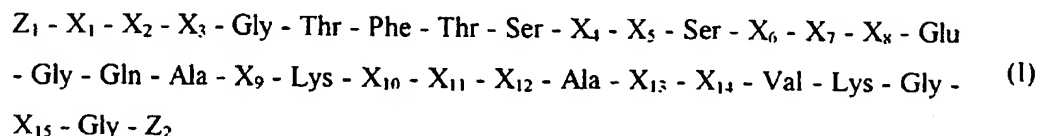
EXEMPLE F : Composition pharmaceutique : soluté injectable

[0127]

Composé de l'exemple 7	10 mg
Eau distillée pour préparations injectables	25 ml

Revendications

1. Composés peptidiques de formule générale (I) :



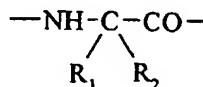
dans laquelle :

Z₁, substituant du groupement aminé terminal du peptide de formule (I), représente un atome d'hydrogène, un groupement alkyle, un groupement acyle (C₁-C₆) linéaire ou ramifié, un groupement aryl-carbonyle éventuellement substitué, hétéroarylcabonyle éventuellement substitué, arylalkylcarbonyle éventuellement substitué, hétéroarylalkylcarbonyle éventuellement substitué, aryloxy-carbonyle éventuellement substitué, arylalkyloxy-carbonyle éventuellement substitué, ou alkyloxy-carbonyle éventuellement substitué,

Z_2 , substituant du groupement carbonyle terminal du peptide de formule (I), représente un groupement hydroxy, alkoxy (C_1-C_6) linéaire ou ramifié, amino (éventuellement substitué par un ou deux groupements identiques ou différents choisis parmi alkyle (C_1-C_6) linéaire ou ramifié, aryle éventuellement substitué, hétéroaryle éventuellement substitué, arylcarbonyle éventuellement substitué, hétéroarylcarbonyle éventuellement substitué, arylalkylcarbonyle éventuellement substitué, hétéroarylalkylcarbonyle éventuellement substitué, ou par deux groupements formant avec l'atome d'azote un cycle saturé de 5 à 7 chaînons).

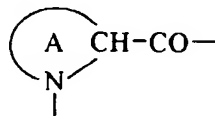
X_1 à X_{14} représentent chacun indépendamment :

- un résidu d'acide aminé naturel ou non naturel de configuration D ou L de formule :



dans laquelle :

- R_1 représente un atome d'hydrogène et R_2 représente un atome d'hydrogène ou un groupement alkyle, aminoalkyle (éventuellement substitué sur l'atome d'azote par un ou deux groupements alkyle, phényle, benzyle, cycloalkyle, aryloxy-carbonyle éventuellement substitué, arylalkyloxy-carbonyle éventuellement substitué, et/ou alkyloxy-carbonyle éventuellement substitué), thioalkyle (éventuellement substitué sur l'atome de soufre par un groupement alkyle, phényle, benzyle, cycloalkyle), hydroxyalkyle (éventuellement substitué sur l'atome d'oxygène par un groupement alkyle, phényle, benzyle, cycloalkyle), carboxyalkyle, carbamoylalkyle, guanidinoalkyle, cycloalkyle, cycloalkylalkyle, cycloalkyle fusionné éventuellement substitué, aryle éventuellement substitué, arylalkyle éventuellement substitué, hétéroaryle éventuellement substitué, hétéroarylalkyle éventuellement substitué, imidazole ou imidazolylalkyle,
- ou bien R_1 et R_2 forment ensemble avec l'atome de carbone qui les porte un groupement cycloalkyle ou cycloalkyle fusionné,
- ou un résidu d'acide amine cyclique naturel ou non naturel de configuration D ou L, de formule :



dans laquelle A forme avec les atomes d'azote et de carbone auxquels il est relié un groupement mono ou bicyclique de 5 à 11 chaînons saturé, partiellement insaturé ou insaturé, et éventuellement substitué,

- ou un résidu de l'acide 3-amino-3-(2-furyl)propanoïque,

X_{15} , représente une liaison ou un résidu arginine (Arg),

leurs sels d'addition à un acide ou à une base pharmaceutiquement acceptable, à la condition que :

X_{15} représente une liaison lorsque :

X_1 est un résidu de configuration L ou D choisi parmi tyrosine (Tyr), arginine (Arg), phénylalanine (Phe), ornithine (Orn), méthionine (Met), proline (Pro), leucine (Leu), valine (Val), isoleucine (Ile), alanine (Ala), acide aspartique (Asp), acide glutamique (Glu), asparagine (Asn), glutamine (Gln), et histidine (His),

et/ou

5 X_2 représente un résidu de configuration L ou D choisi parmi serine (Ser), glycine (Gly), cystéine (Cys), sarcosine (Sar), alanine (Ala), proline (Pro), valine (Val), leucine (Leu), isoleucine (Ile), et threonine (Thr),
et/ou

X_3 représente un résidu d'acide aminé de configuration L ou D choisi parmi glutamine (Gln), acide aspartique (Asp), thréonine (Thr), asparagine (Asn), et acide glutamique (Glu),
et/ou

10 X_5 représente un résidu tyrosine (Tyr),
et/ou

15 X_6 représente un résidu lysine (Lys),
et/ou

X_{10} représente un résidu d'acide aminé choisi parmi glutamine (Gln), alanine (Ala), thréonine (Thr), sérine (Ser), et glycine (Gly),
et/ou

20 X_{13} représente un résidu d'acide aminé choisi parmi phénylalanine (Phe) valine (Val), leucine (Leu), isoleucine (Ile), alanine (Ala), et tyrosine (Tyr),

25 étant entendu que :

- les résidus X_1 à X_{15} ne peuvent être choisis de telle façon que le peptide obtenu soit identique au peptide naturel,
- le terme alkyle désigne une chaîne linéaire ou ramifiée de 1 à 6 atomes de carbones,
- le terme cycloalkyle représente un groupement cyclique carboné, saturé de 3 à 8 chaînons,
- l'expression "cycloalkyle fusionné" désigne un groupement bicyclique de 8 à 11 chaînons, composé d'un cycle saturé carboné fusionné avec un cycle saturé ou insaturé comportant éventuellement un ou deux hétéroatomes choisis parmi azote, oxygène ou soufre, par exemple un groupement indane, tétrahydronaphtalène ou tétrahydroquinoléine,
- le terme aryle représente un groupement phényle, naphthyle ou biphényle,
- le terme hétéroaryle représente un groupement mono ou bicyclique de 5 à 11 chaînons contenant de 1 à 4 hétéroatomes choisis parmi azote, oxygène ou soufre, par exemple un groupement furyle, pyridyle, thiényle ou indolye,
- le terme arylcarbonyle représente un groupement R_a -CO-, le terme arylalkylcarbonyle représente un groupement R_a - R_b -CO-, le terme hétéroarylcarbonyle représente un groupement R_c -CO-, et le terme hétéroarylalkylcarbonyle représente un groupement R_c - R_b -CO-, le terme aryloxy carbonyle représente un groupement R_a - R_b -O-CO- et le terme alkyloxy carbonyle représente un groupement R_b -O-CO-, dans lesquels R_a représente un groupement aryle tel que défini précédemment, R_b un groupement alkyle tel que défini précédemment et R_c un groupement hétéroaryle tel que défini précédemment,
- le terme substitué affecté aux expressions précédemment définies, signifie que les groupements concernés sont substitués par un ou plusieurs atomes d'halogène, ou groupements alkyle (C_1 - C_6) linéaire ou ramifié, hydroxy, alkoxy (C_1 - C_6) linéaire ou ramifié, amino, cyano, nitro, perhalogénoalkyle (C_1 - C_6) linéaire ou ramifié,
- chaque liaison peptidique -CO-NH- peut être éventuellement remplacée par une liaison pseudopeptidique choisie parmi -CH₂-NH-, -NH-CO-, -CO-N(CH₃)-, -CH₂-CH₂-, -CH₂-CO-, -CH₂-S-, -CH₂-SO-, -CH₂-SO₂-, -CH=CH-, -CO-CH₂-NH-.

2. Composés de formule (I) selon la revendication 1 pour lesquels Z_1 représente un atome d'hydrogène, ainsi que leurs sels d'addition à un acide ou à une base pharmaceutiquement acceptable.

3. Composés de formule (I) selon la revendication 1 pour lesquels Z_2 représente un groupement choisi parmi hydroxy, alkoxy (C_1 - C_6) linéaire ou ramifié, et amino, ainsi que leurs sels d'addition à un acide ou à une base pharmaceutiquement acceptable.

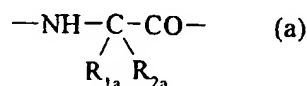
4. Composés de formule (I) selon la revendication 1 tels que X_{15} représente une liaison, ainsi que leurs sels d'addition à un acide ou à une base pharmaceutiquement acceptable.

5. Composés de formule (I) selon la revendication 1 tels que :

Z_1 , représente un atome d'hydrogène,

Z_2 , représente un groupement choisi parmi hydroxy, alkoxy (C_1 - C_6) linéaire ou ramifié, ou amino,

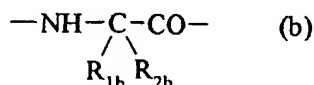
X_1 et X_{11} représentent un résidu d'acide aminé naturel ou non naturel, de configuration D ou L, et sont choisis indépendamment parmi les résidus d'acides aminés possédant une chaîne latérale à caractère aromatique, représentés par la formule suivante :



dans laquelle :

R_{1a} représente un atome d'hydrogène, et R_{2a} représente un groupement cycloalkyle fusionné avec un cycle insaturé, et éventuellement substitué, ou un groupement aryle éventuellement substitué, arylalkyle éventuellement substitué, hétéroaryle éventuellement substitué, hétéroarylalkyle éventuellement substitué, imidazolyle, ou imidazolylalkyle,

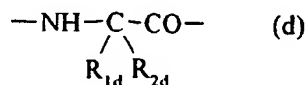
X_2 et X_9 représentent un résidu d'acide aminé naturel ou non naturel, de configuration D ou L, et sont choisis indépendamment parmi les résidus d'acides aminés possédant une chaîne latérale à caractère aliphatique, représentés par la formule suivante :



dans laquelle :

R_{1b} représente un atome d'hydrogène, et R_{2b} représente un atome d'hydrogène ou un groupement alkyl, ou cycloalkyle,

X_3 et X_6 représentent un résidu d'acide aminé naturel ou non naturel, de configuration D ou L, et sont choisis indépendamment parmi les résidus d'acides aminés possédant une chaîne latérale capable d'établir des interactions ioniques, représentés par la formule suivante :

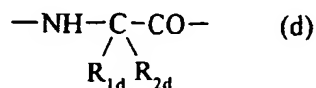


dans laquelle :

R_{1d} représente un atome d'hydrogène, et R_{2d} représente un groupement aminoalkyle, thioalkyle, hydroxyalkyle, carboxyalkyle, guanidinoalkyle, imidazolyle, ou imidazolylalkyle,

X_4 , X_7 , X_{10} et X_{12}

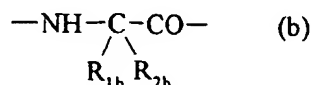
représentent un résidu d'acide aminé naturel ou non naturel, de configuration D ou L, et sont choisis indépendamment parmi les résidus d'acides aminés possédant une chaîne latérale capable d'établir des interactions ioniques, représentés par la formule suivante :



dans laquelle :

R_{1d} représente un atome d'hydrogène, et R_{2d} représente un groupement aminoalkyle, thioalkyle, hydroxyalkyle, carboxyalkyle, guanidinoalkyle, imidazolyte, ou imidazolyalkyle,

ou bien sont choisis indépendamment parmi les résidus d'acides aminés possédant une chaîne latérale à caractère aliphatique, représentés par la formule suivante :



dans laquelle :

R_{1b} représente un atome d'hydrogène, et R_{2b} représente un atome d'hydrogène ou un groupement alkyl, ou cycloalkyle,

X_5 représente un résidu valine (Val),

X_8 et X_{14} représentent indépendamment un résidu leucine (Leu) de configuration D ou L,

X_{13} représente un résidu tryptophane (Trp),

X_{15} représente une liaison ou un résidu argine (Arg),

leurs sels d'addition à un acide ou à une base pharmaceutiquement acceptable.

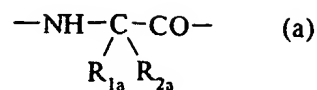
6. Composés de formule (I) selon la revendication 5 tels que X_{15} représente une liaison, ainsi que leurs sels d'addition à un acide ou à une base pharmaceutiquement acceptable.

7. Composés de formule (I) selon la revendication 1 tels que :

Z_1 , représente un atome d'hydrogène,

Z_2 , représente un groupement choisi parmi hydroxy, alkoxy (C_1 - C_6) linéaire ou ramifié, ou amino,

X_1 et X_{11} représentent un résidu d'acide aminé naturel ou non naturel, de configuration D ou L, et sont choisis indépendamment parmi les résidus d'acides aminés possédant une chaîne latérale à caractère aromatique, représentés par la formule suivante :

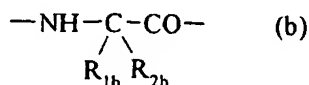


dans laquelle :

R_{1a} représente un atome d'hydrogène, et R_{2a} représente un groupement cycloalkyle fusionné avec un cycle insaturé, et éventuellement substitué, ou un groupement aryle éventuellement substitué, arylalkyle éventuellement substitué, hétéroaryle éventuellement substitué, hétéroarylalkyle éventuellement substitué, imidazolyle, ou imidazolylalkyle,

X_2 et X_9

représentent un résidu d'acide aminé naturel ou non naturel, de configuration D ou L, et sont choisis indépendamment parmi les résidus d'acides aminés possédant une chaîne latérale à caractère aliphatique, représentés par la formule suivante :

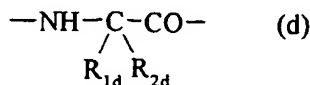


dans laquelle :

R_{1b} représente un atome d'hydrogène, et R_{2b} représente un atome d'hydrogène ou un groupement alkyl, ou cycloalkyle,

X_3 et X_6

représentent un résidu d'acide aminé naturel ou non naturel, de configuration D ou L, et sont choisis indépendamment parmi les résidus d'acides aminés possédant une chaîne latérale capable d'établir des interactions ioniques, représentés par la formule suivante :

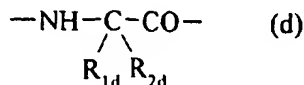


dans laquelle :

R_{1d} représente un atome d'hydrogène, et R_{2d} représente un groupement aminoalkyle, thioalkyle, hydroxyalkyle, carboxyalkyle, guanidinoalkyle, imidazolyle, ou imidazolylalkyle,

X_4 , X_7 et X_{10}

représentent un résidu d'acide aminé naturel ou non naturel, de configuration D ou L, et sont choisis indépendamment parmi les résidus d'acides aminés possédant une chaîne latérale capable d'établir des interactions ioniques, représentés par la formule suivante :



dans laquelle :

R_{1d} représente un atome d'hydrogène, et R_{2d} représente un groupement aminoalkyle, thioalkyle, hydroxyalkyle, carboxyalkyle, guanidinoalkyle, imidazolyle, ou imida-

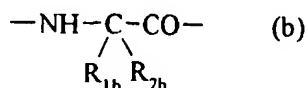
zolyalkyle,

X_5 représente un résidu valine (Val),

5 X_8 et X_{14} représentent indépendamment un résidu leucine (Leu) de configuration D ou L,

X_{12} représente un résidu d'acide aminé naturel ou non naturel, de configuration D ou L, et est choisi parmi les résidus d'acides aminés possédant une chaîne latérale à caractère aliphatique, représentés par la formule suivante :

10



15

dans laquelle :

20 R_{1b} représente un atome d'hydrogène, et R_{2b} représente un atome d'hydrogène ou un groupement alkyl, ou cycloalkyle,

X_{13} représente un résidu tryptophane (Trp),

25 X_{15} représente une liaison ou un résidu arginine (Arg),

25

leurs sels d'addition à un acide ou à une base pharmaceutiquement acceptable.

8. Composés de formule (I) selon la revendication 7 tels que X_{15} représente une liaison, ainsi que leurs sels d'addition à un acide ou à une base pharmaceutiquement acceptable.

30

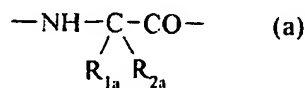
9. Composés de formule (I) selon la revendication 1 tels que :

Z_1 , représente un atome d'hydrogène,

35 Z_2 , représente un groupement choisi parmi hydroxy, alkoxy (C_1 - C_6) linéaire ou ramifié, ou amino,

X_1 et X_{11} représentent un résidu d'acide aminé naturel ou non naturel, de configuration D ou L, et sont choisis indépendamment parmi les résidus d'acides aminés possédant une chaîne latérale à caractère aromatique, représentés par la formule suivante :

40



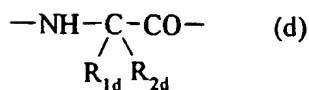
45

dans laquelle :

50 R_{1a} représente un atome d'hydrogène, et R_{2a} représente un groupement cycloalkyle fusionné avec un cycle insaturé, et éventuellement substitué, ou un groupement aryle éventuellement substitué, arylalkyle éventuellement substitué, hétéroaryle éventuellement substitué, hétéroarylalkyle éventuellement substitué, imidazolyle, ou imidazolylalkyle,

X_2 et X_9 représentent indépendamment un résidu alanine (Ala) de configuration D ou L,

55 X_3 et X_6 représentent un résidu d'acide aminé naturel ou non naturel, de configuration D ou L, et sont choisis indépendamment parmi les résidus d'acides aminés possédant une chaîne latérale capable d'établir des interactions ioniques, représentés par la formule suivante :



5

dans laquelle :

10 R_{1d} représente un atome d'hydrogène, et R_{2d} représente un groupement aminoalkyle, thioalkyle, hydroxyalkyle, carboxyalkyle, guanidinoalkyle, imidazolyle, ou imidazolylalkyle,

X_4 représente un résidu de l'acide aspartique (Asp),

X_5 représente un résidu valine (Val),

15

X_7 représente un résidu tyrosine (Tyr),

X_8 et X_{14} représentent indépendamment un résidu leucine (Leu) de configuration D ou L,

20 X_{10} représente un résidu glutamine (Glu),

X_{12} représente un résidu isoleucine (Ile),

X_{13} représente un résidu tryptophane (Trp),

25

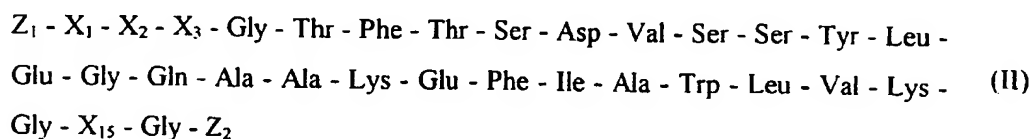
X_{15} représente une liaison ou un résidu arginine (Arg),

leurs sels d'addition à un acide ou à une base pharmaceutiquement acceptable.

30 10. Composés de formule (I) selon la revendication 9 tels que X_{15} représente une liaison, ainsi que leurs sels d'addition à un acide ou à une base pharmaceutiquement acceptable.

11. Composés peptidiques, selon la revendication 1, représentés par la formule (II) :

35



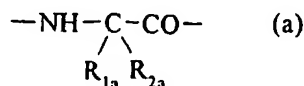
40

dans laquelle :

45 Z_1 , substituant du groupement aminé terminal du peptide de formule (II), représente un atome d'hydrogène,

Z_2 , substituant du groupement carbonyle terminal du peptide de formule (II), représente un groupement hydroxy, alkoxy (C_1 - C_6) linéaire ou ramifié, ou amino.

50 X_1 , représente un résidu d'acide aminé naturel ou non naturel de configuration D ou L, possédant une chaîne latérale à caractère aromatique, représenté par la formule suivante :

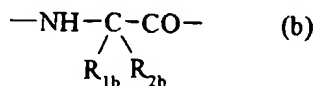


55

dans laquelle :

R_{1a} représente un atome d'hydrogène, et R_{2a} représente un groupement cycloalkyle fusionné avec un cycle insaturé, et éventuellement substitué, ou un groupement aryle éventuellement substitué, arylalkyle éventuellement substitué, hétéroaryle éventuellement substitué, hétéroarylalkyle éventuellement substitué, imidazolyle ou imidazolylalkyle,

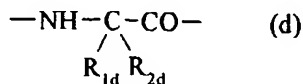
X_2 , représente un résidu d'acide aminé naturel ou non naturel de configuration D ou L, possédant une chaîne latérale à caractère aliphatique, représenté par la formule suivante :



dans laquelle :

R_{1b} représente un atome d'hydrogène, et R_{2b} représente un atome d'hydrogène ou un groupement alkyl, ou cycloalkyle,

X_3 , représente un résidu d'acide aminé naturel ou non naturel de configuration D ou L, possédant une chaîne latérale capable d'établir des interactions ioniques, représenté par la formule suivante :



dans laquelle :

R_{1d} représente un atome d'hydrogène, et R_{2d} représente un groupement aminoalkyle, thioalkyle, hydroxyalkyle, carboxyalkyle, guanidinoalkyle, imidazolyle, ou imidazolylalkyle,

X_{15} , représente une liaison ou un résidu arginine,

ainsi que leurs sels d'addition à un acide ou à une base pharmaceutiquement acceptable.

12. Composés de formule (II) selon la revendication 11 tels que X_{15} représente une liaison, ainsi que leurs sels d'addition à un acide ou à une base pharmaceutiquement acceptable.

13. Composés de formule (II) selon la revendication 11 tels que X_2 représente un résidu alanine (Ala) de configuration D ou L tandis que X_{15} représente une liaison, ainsi que leurs sels d'addition à un acide ou à une base pharmaceutiquement acceptable.

14. Composés de formule (I) selon la revendication 1 qui sont les peptides suivants :

- 5 • His - Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - (D)-Leu -
Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly -
Arg - Gly - NH₂
- 10 • Trp - Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu -
Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - (D)-Leu - Val - Lys - Gly -
Arg - Gly - NH₂
- 15 • Trp - Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu -
Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Arg -
Gly - NH₂
- 20 • His - Ala - Gln - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Val - Leu - Glu -
Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Arg -
Gly - NH₂
- 25 • His - Ala - His - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Val - Leu - Glu -
Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Arg -
Gly - NH₂.

30

15. Composés de formule (I) selon la revendication 1 qui sont les peptides suivants :

- 35 • His - Ala - (D)-Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu -
Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly -
Gly - NH₂
- 40 • His - (D)-Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu -
Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly -
Gly - NH₂
- 45 • His - Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu -
Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly -
NH₂

50

55

- 5 • His - Leu- Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu -
 Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly -
 NH₂
- 10 • His - Val - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu -
 Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly -
 NH₂
- 15 • Afp - Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu -
 Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly -
 NH₂
- 20 • His - Ala - Asp - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu -
 Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly -
 NH₂
- 25 • His - Ala - Ser - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu -
 Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly -
 NH₂
- 30 • His - Ala - Lys - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu -
 Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly -
 NH₂
- 35 • Phe - (D)-Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Lys - Tyr - Leu -
 Glu - Gly - Gln - Ala - Val - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly -
 Gly - NH₂
- 40 • Phe - (D)-Ala - Gln - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Val - (D)-Leu -
 Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly -
 Gly - NH₂
- 45 • His - Ala - Leu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu -
 Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly -
 NH₂
- 50 • His - Ala - Met - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu -
 Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly -
 NH₂
- 55 •

- 5 • His - Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Trp - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly - NH₂
- 10 • His - Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Ile - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly - NH₂
- 15 • His - Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Val - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly - NH₂
- 20 • His - Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - His - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly - NH₂
- 25 • His - Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Asp - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly - NH₂
- 30 • His - Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Leu - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly - NH₂
- 35 • His - Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Val - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly - NH₂
- 40 • His - Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Tyr - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly - NH₂
- 45 • His - Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Arg - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly - NH₂
- 50 • His - Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Glu - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly - NH₂

55

- Phe - Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly - NH₂
- His - Ala - Lys - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Arg - Gly - NH₂
- His - Ala - Met - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Arg - Gly - NH₂
- His - Ala - Leu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Arg - Gly - NH₂
- His - Ala - Ser - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Arg - Gly - NH₂
- His - Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - (D)-Leu - Val - Lys - Gly - Arg - Gly - NH₂.

16. Composé de formule (I) selon la revendication 1 qui est le peptide suivant :

His - Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - (D)-Leu - Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Arg - Gly - NH₂.

ainsi que ses sels d'addition à un acide ou à une base pharmaceutiquement acceptable.

17. Composé de formule (I) selon la revendication 1 qui est le peptide suivant :

His - (D)-Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu - Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly - NH₂

ainsi que ses sels d'addition à un acide ou à une base pharmaceutiquement acceptable.

18. Composé de formule (I) selon la revendication 1 qui est le peptide suivant :

5

His - Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu -
Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly -
10 NH₂

ainsi que ses sels d'addition à un acide ou à une base pharmaceutiquement acceptable.

15

19. Composé de formule (I) selon la revendication 1 qui est le peptide suivant :

His - Ala - Asp - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu -
20 Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly -
NH₂

25

ainsi que ses sels d'addition à un acide ou à une base pharmaceutiquement acceptable.

20. Composé de formule (I) selon la revendication 1 qui est le peptide suivant :

30

Phe - (D)-Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Lys - Tyr - Leu -
Glu - Gly - Gln - Ala - Val - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly -
35 Gly - NH₂

35

ainsi que ses sels d'addition à un acide ou à une base pharmaceutiquement acceptable.

21. Composé de formule (I) selon la revendication 1 qui est le peptide suivant :

40

His - Ala - Met - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu -
45 Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Ile - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly -
NH₂

50

ainsi que ses sels d'addition à un acide ou à une base pharmaceutiquement acceptable.

22. Composé de formule (I) selon la revendication 1 qui est le peptide suivant :

55

His - Ala - Glu - Gly - Thr - Phe - Thr - Ser - Asp - Val - Ser - Ser - Tyr - Leu - Glu -
 Gly - Gln - Ala - Ala - Lys - Glu - Phe - Val - Ala - Trp - Leu - Val - Lys - Gly - Gly -
 5 NH₂

ainsi que ses sels d'addition à un acide ou à une base pharmaceutiquement acceptable.

10 23. Procédé de préparation des composés de formule (I) selon la revendication 1 caractérisé en ce qu'ils peuvent être obtenus par synthèse séquentielle sur phase solide à partir d'acides aminés protégés, par synthèse à partir de fragments peptidiques en solution, ou éventuellement par combinaison de ces deux techniques,

15 et si on le souhaite par introduction, selon les techniques classiques de la chimie organique, d'une ou plusieurs liaisons pseudo-peptidiques à tout moment de la synthèse de la séquence peptidique, dérivés de formule (I) que l'on transforme, si nécessaire, en leurs sels d'addition à un acide ou à une base pharmaceutiquement acceptable.

20 24. Compositions pharmaceutiques contenant comme principe actif au moins un composé selon l'une quelconque des revendications 1 à 22, seul ou en combinaison avec un ou plusieurs excipients ou véhicules inertes, non toxiques, pharmaceutiquement acceptables.

25 25. Compositions pharmaceutiques selon la revendication 24 contenant au moins un principe actif selon l'une quelconque des revendications 1 à 22 utiles comme agoniste du ¹(GLP-1) dans le traitement des pathologies dans lesquelles le ¹(GLP-1) intervient.

30 26. Composition pharmaceutique selon la revendication 24 contenant au moins un principe actif selon l'une quelconque des revendications 1 à 22 utile dans le traitement du diabète de type II non insulino-dépendant, de l'obésité, et dans le diabète de type 1.